

Figure 1 : Alignment of the BASB132 polynucleotide sequences.
Identity to SeqID N :1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

* 20 *
Seqid1 : ATGACTCATCAGGATAATTCAAAAAACTCG : 30
Seqid3 : ----- . - . - . - . - . - . - . -

	40	*	60
Seqid1 :	TCATCGGCAGAAAATGGGGTTCTGCTGGC	:	60
Seqid3 :	-----	:	-

100 * 120
Seqid1 : CCACCAAACCCACCCAAACCACAATGGCTA : 120
Seqid3 : ----- . . -

160 * 180

2/45

Seqid1 : ATTATTGCCGCTTATTGTTGGCGGTG : 180

Seqid3 : ----- : -

* 200 *

Seqid1 : TTATTTGCCATGACCAACAGCGAGTCAGGT : 210

Seqid3 : ----- : -

220 * 240

Seqid1 : TCAAAGTTTTAATCGAAAAAATTGCGTTA : 240

Seqid3 : ----- : -

* 260 *

Seqid1 : GAAACTGGCACTAAGCTTAAGTACAGCGAA : 270

Seqid3 : ----- : -

280 * 300

Seqid1 : GGCTCAATTGCCATGGAGTTGGGTGCAA : 300

Seqid3 : ----- : -

* 320 *

Seqid1 : GATGTCAAAATCGCTCAAAGTGAAGATATT : 330

Seqid3 : ----- : -

3/45

340 * 360

Seqid1 : ACCATCACCAATTAAATCGTGCCTATGTACAG : 360

Seqid3 : ----- : -

* 380 *

Seqid1 : CTTGGGTGGCGAGCCTTGTTCGCTGCCAA : 390

Seqid3 : ----- : -

400 * 420

Seqid1 : GTGCATTTGGTCAATCCTAAGATTGATAAA : 420

Seqid3 : ----- : -

* 440 *

Seqid1 : GTTTATGTGACAAACACCAAGCCATCAACA : 450

Seqid3 : ----- : -

460 * 480

Seqid1 : GGCGAACCCCTTGATTATGCGACCATCAAC : 480

Seqid3 : ----- : -

* 500 *

Seqid1 : CTACCAGTGACGCTTAAGCTTGAAAATGCC : 510

4/45

Seqid3 : ----- : -

520 * 540

Seqid1 : AAAGTCAATGAAATTATCTATGACCAAGTG : 540

Seqid3 : ----- : -

* 560 *

Seqid1 : GATTCTGAGCCTGTCGTACTGCATCATATC : 570

Seqid3 : ----- : -

580 * 600

Seqid1 : GCATTTGATCACGCATCATGGGCAGATTCA : 600

Seqid3 : ----- : -

* 620 *

Seqid1 : ACAGTTAAAATTGATAACGCCATGCTAAGC : 630

Seqid3 : ----- : -

640 * 660

Seqid1 : TATGGTGATGATATTAATATCAGCCATGCC : 660

Seqid3 : ----- : -

4/45

Seqid3 : ----- : -

520 * 540

Seqid1 : AAAGTCAATGAAATTATCTATGACCAAGTG : 540

Seqid3 : ----- : -

* 560 *

Seqid1 : GATTCTGAGCCTGTCGTACTGCATCATATC : 570

Seqid3 : ----- : -

580 * 600

Seqid1 : GCATTTGATCACGCATCATGGGCAGATTCA : 600

Seqid3 : ----- : -

* 620 *

Seqid1 : ACAGTTAAAATTGATAACGCCATGCTAAGC : 630

Seqid3 : ----- : -

640 * 660

Seqid1 : TATGGTGATGATATTAATATCAGCCATGCC : 660

Seqid3 : ----- : -

5/45

* 680 *

Seqid1 : ACTGGTGGAATTGATTTAACAGGTCAATTAT : 690

Seqid3 : ----- : -

700 * 720

Seqid1 : CCGCTGTCGTTGTCGGCAGATGTGCATATT : 720

Seqid3 : ----- : -

* 740 *

Seqid1 : TTGGCACTTGATGATGCGTATTTGATACT : 750

Seqid3 : ----- : -

760 * 780

Seqid1 : TTGTCGGTGAAAGCAGGCAGGTAGCCTTAAG : 780

Seqid3 : ----- : -

* 800 *

Seqid1 : CGTACCGTTGGTACACTCACTGGCAAATAT : 810

Seqid3 : ----- : -

820 * 840

6/45

Seqid1 : AATCAGCATCATGTGACAGGCAGCTTATC : 840

Seqid3 : ----- : -

* 860 *

Seqid1 : GCTCAAGGGTTGGATAAAAACTCACCTTT : 870

Seqid3 : ----- : -

880 * 900

Seqid1 : AGCGCACGCCTTGATTTGATGAAGTACGA : 900

Seqid3 : ----- : -

* 920 *

Seqid1 : TTGCCTTATGCTGACAGTCAAAATATTTA : 930

Seqid3 : ----- : -

940 * 960

Seqid1 : CTAAAAAAATGGCTCTATCATCGCTGATGGC : 960

Seqid3 : ----- : -

* 980 *

Seqid1 : GTCATCTCAAATATCGAGCTACGCATTAAC : 990

7/45

Seqid3 : ----- : -

1000 * 1020

Seqid1 : ACTGAGTTATCCGCCAAAGATATTCTGAT : 1020

Seqid3 : ----- : -

* 1040 *

Seqid1 : GGGCATTATCACGGTCGTGGAATTATTCGT : 1050

Seqid3 : ----- : -

1060 * 1080

Seqid1 : GGCAGTACCATGCAAATCCCATATTCAG : 1080

Seqid3 : ----- : -

* 1100 *

Seqid1 : GCTGATACTGCCAATGGTACTTGGTGGCA : 1110

Seqid3 : ----- : -

1120 * 1140

Seqid1 : ACGGGTGATATGACTTGGGAAGATGGCTAT : 1140

Seqid3 : ----- : -

8/45

* 1160 *

Seqid1 : GAGCTTGATGCCACCATTACAGCAGACGGC : 1170
Seqid3 : ----- : -

1180 * 1200

Seqid1 : TATCGTATCCGTGAAGAGATGCCAAGTGAT : 1200
Seqid3 : ----- : -

* 1220 *

Seqid1 : TATCATGAATATAGAGCCTATCTACCTAAG : 1230
Seqid3 : ----- : -

1240 * 1260

Seqid1 : GTTTGACAGGCTCACTTGGGGTTAAGTAT : 1260
Seqid3 : ----- : -

* 1280 *

Seqid1 : ACGCTATTAGACAAAGCCAGTCATGATACT : 1290
Seqid3 : ----- : -

1300 * 1320

9/45

Seqid1 : CGGTTTGAGTTGATCTGAATCAAAAAGAC : 1320

Seqid3 : ----- : -

* 1340 *

Seqid1 : GGTGAACGCATTCAAGCGACGCTGGCTCAA : 1350

Seqid3 : ----- : -

1360 * 1380

Seqid1 : AATCAACAGAGTGATCATGAGCCTTGGCGT : 1380

Seqid3 : ----- : -

* 1400 *

Seqid1 : ATTGATGCGACTTGGGCAAATCTAATCCGC : 1410

Seqid3 : ----- : -

1420 * 1440

Seqid1 : CATGATATTCCACAAATTGGCGAGATTCAT : 1440

Seqid3 : ----- : -

* 1460 *

Seqid1 : AGCCGCTCAGGTCAAGGCATCAGTTCGTTG : 1470